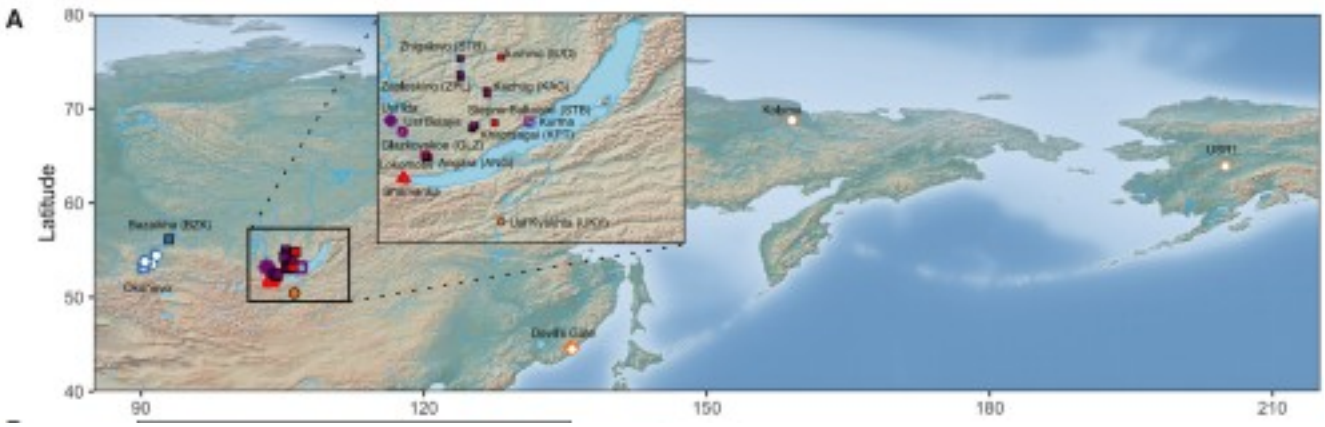
Генетическое прошлое Байкала – от палеолита до бронзового века

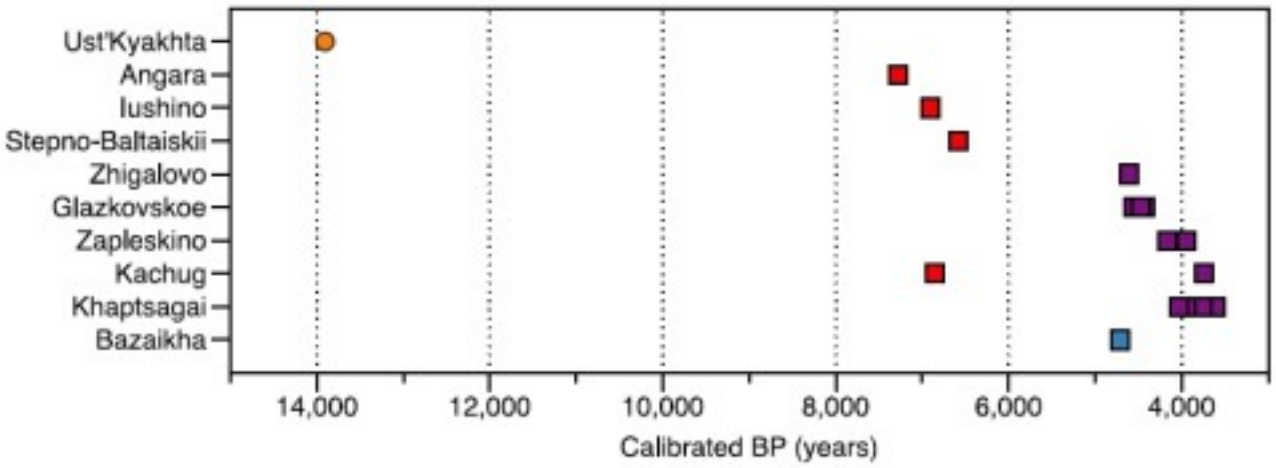
Исследование древних геномов с Байкала выявило динамические изменения популяционной структуры региона, начиная с палеолита, в том числе генетической след из западноевразийских степей в позднем неолите/бронзовом веке. Вероятно, с последним связано распространение по Евразии бактерии чумы, геномы которой найдены у байкальских индивидов. Уточняются генетические связи верхнепалеолитической популяции с Байкала и других верхнепалеолитических популяций Сибири с предками коренного населения Америки.

Регион озера Байкал в Южной Сибири был заселен современными людьми, начиная с верхнего палеолита, к ним принадлежал верхнепалеолитический человек со стоянки Мальта (MA1) возрастом 24 тыс. лет. Эта популяция, получившая название «древние северные евразийцы» — “Ancient North Eurasian (ANE)”, как показали палеогенетики, была широко расселена по Сибири в палеолите и внесла генетический вклад в большое число популяций Евразии, а также коренного населения Америки. Предполагалось, что генетический профиль ANE на Байкале в раннем неолите был замещен генетическим компонентом Северо-Восточной Азии (NEA), представителями которого считают людей из пещеры Чертовы ворота в Приморье. В результате миграций из Северо-Восточной Сибири, из Берингии, были заселены Северная и Южная Америка, причем предполагается несколько волн таких миграций. Их источником была берингийская популяция, сформировавшаяся 20-25 тысяч лет назад. Происхождение этой популяции и ее связь с группами населения, проживающими в разных регионах Евразии, выясняется в многочисленных исследованиях. До сих пор самое близкое генетическое родство с первыми коренными жителями Америки было найдено у жителя Северо-Восточной Сибири (образец Колыма) с датировкой 9800 лет. Дальнейшее изучение популяционной истории Сибири с привлечением новых древних геномов важно для лучшего понимания формирования популяций Нового Света.

В новом исследовании, результаты которого опубликованы в журнале Cell, представлены данные по 19 секвенированным древним геномам с озера Байкал и окружающих областей, охватывающих эпоху от верхнего палеолита до раннего бронзового века. Ведущий автор статьи – Йоханнес Краузе, Институт наук об истории человека Общества Макса Планка в Йене, Германия. В числе изученных древних образцов был один верхнепалеолитический (14 050-13770 лет назад), 4 образца раннего неолита (7320-6500 лет назад) и 14 образцов от позднего неолита до ранней бронзы (4830-3570 лет назад).



Географическое расположение изученных в работе древних геномов (цветные заполненные значки) и ранее опубликованных геномов (пустые значки).



Датировка изученных в работе древних геномов.

ДНК, извлеченную из зубов либо каменистой кости черепа, секвенировали методом SNP-capture, было охвачено 1,24 млн SNP, покрытие секвенирования составило от 0.04X до 2.07X. Пол индивидов определяли по сравнению фрагментов X- и Y-хромосом. Среди них оказалось 4 женщины и 15 мужчин, они не состояли друг с другом в родственных отношениях. Древние генотипы сравнили с опубликованными геномными данными по 3 014 современных индивидов из разных популяций и 453 древних индивидов.

Авторы провели анализ главных компонент, чтобы определить генетическое положение изученных древних индивидов среди современных популяций Евразии и коренных жителей Америки. Большая часть байкальских индивидов на графике PCA располагалась вдоль клины “ANE-NEA”, где ANE – это генетический компонент древних северных евразийцев (их представители — верхнепалеолитические индивиды со стоянок Мальта, MA-1, и Афонтова гора, AG-3) , а NEA – компонент Северо-Восточной Азии, представленный охотниками-собирателями из пещеры Чертовы ворота в Приморье.

Новый секвенированный верхнепалеолитический геном, принадлежащий индивиду со стоянки Усть-Кяхта-3 (UKY), обозначенный на графике оранжевым кружком, расположился недалеко от генома мезолитического индивида Колыма (оранжевое кольцо чуть выше). Относительно более молодых образцов из байкальского региона UKY генетически сдвинут в направлении к американским индейцам (на графике вверх).

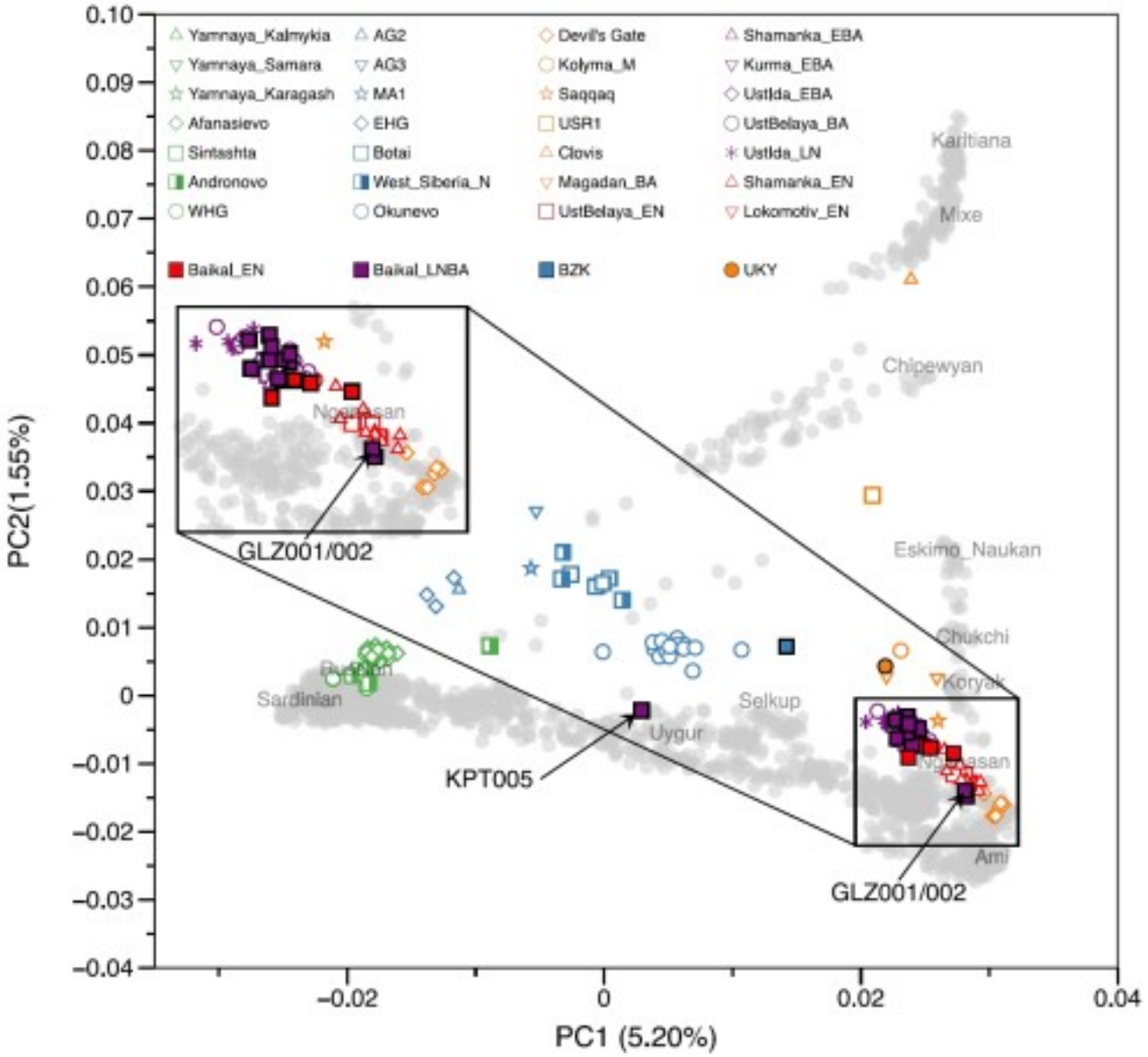


График анализа главных компонент популяций Евразии и Северной Америки. Современные индивиды показаны серыми теневыми точками; древние индивиды показаны цветными значками, легенда вверху.

Четыре байкальских образца из раннего неолита (красные квадраты) на графике PCA сгруппировались с ранее опубликованными неолитическими образцами (Шаманка, Локомотив, Усть-Белая), образуя кластер раннего байкальского неолита. Образцы позднего неолита (сиреневые квадраты) разделились на группы. Основная группа позднего байкальского неолита включила 10 образцов и вошла в один кластер с другими образцами от позднего неолита до ранней бронзы. На графике они расположены ближе к ANE (Чертовы ворота, оранжевые пустые ромбики) по сравнению с ранненеолитическими образцами, а также близко к палеоэскимосскому индивиду Саккак (оранжевая звезда). Другие два образца (GLZ001-002) оказались еще ближе к образцам из Чертовых ворот. Один поздненеолитический образец продемонстрировал наличие степного генетического вклада (KPT005) и оказался близок к индивидам окуневской культуры бронзового века (голубые кольца).

Сходные данные были получены с применением анализа предковых компонентов ADMIXTURE. При увеличении числа предковых компонентов до 16 все байкальские геномы от раннего неолита до бронзы продемонстрировали три предковых компонента: ANE (ярко-голубой цвет), NEA (красный цвет) и центральносибирский (фиолетовый цвет), наиболее выраженный в популяции нганасан.

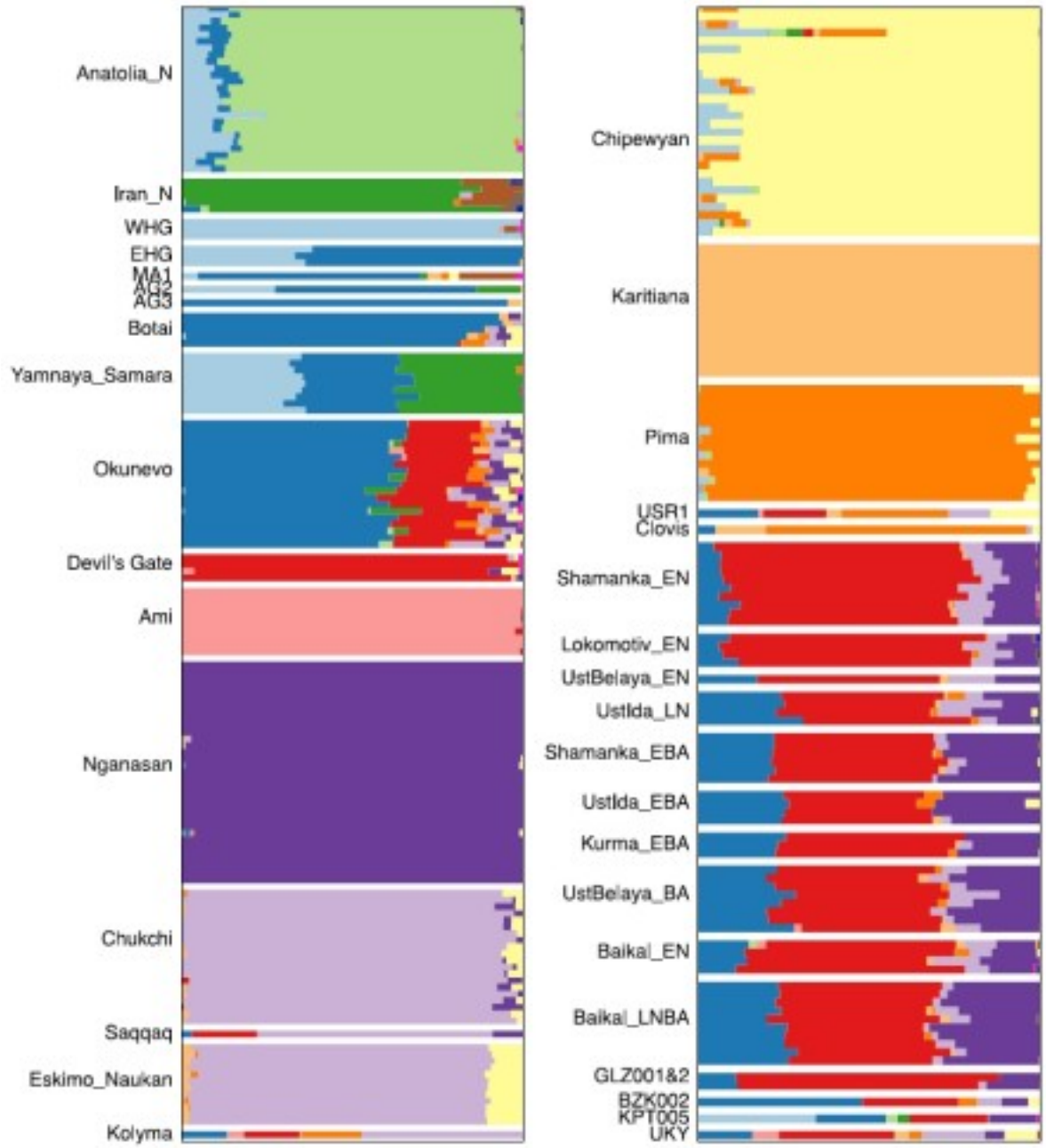


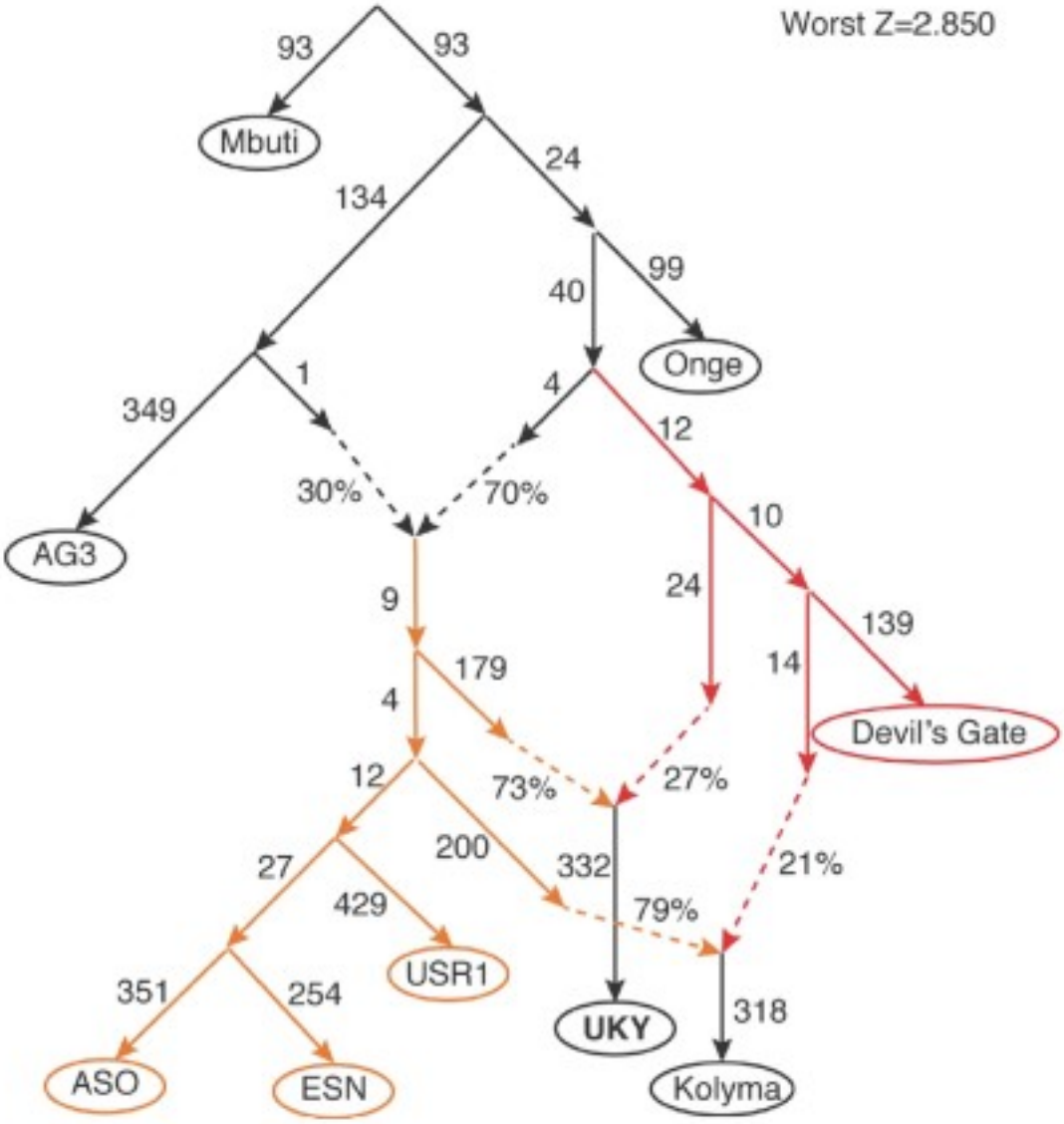
График анализа ADMIXTURE при заданном числе предковых компонентов k=16. Компоненты Северо-Восточной Азии (красный), ANE (ярко-синий), нганасаны (фиолетовый).

Генетическая близость верхнепалеолитического индивида UKY к мезолитическому индивиду Колыма была также продемонстрирована методом поиска идентичных по происхождению сегментов генома (IBD) и методом f3 статистики. У них оказалось большое число идентичных по происхождению сегментов генома, несмотря на то, что их разделяет 4000 лет и 3000 километров. Метод qpAdm показал, что при моделировании из двух источников: популяций из Чертовых ворот (NEA) и Афонтовой горы (ANE) геномы UKY и Колыма содержат одинаковую долю компонента ANE – около 30%.

Затем родственные отношения между UKY, индивидом Колыма и коренным населением Америки исследовали методом моделирования qpGraph. Анализ показал, что геномы как UKY, так и Колыма моделируются смешением между компонентом NEA и линией предков коренного населения Америки. Это означает, считают авторы, что независимо от миграции берингийской популяции на американский континент генетический компонент, предковый для коренного населения Америки, был широко распространен по Сибири в период верхнего палеолита. Графический анализ смешения показал, что базальная для коренного населения Америки популяция испытывала множество генетических контактов с популяциями Северо-Восточной Азии, давая начало различным древним популяциям Сибири.

Авторы предложили демографическую модель, в соответствии с которой байкальский индивид UKY, 14 тыс. лет назад, Колыма, 9800 лет назад, и предки коренного населения Америки происходили от исходной популяции, в которой смешались

ANE и NEA компоненты. На схеме из этой точки начинается оранжевая линия – линиям коренного населения Америки. Эта популяция в верхнем палеолите была, вероятно, широко расселена по Сибири и испытывала частые генетические контакты с популяциями северовосточноазиатского происхождения, что привело к разными долям ANE и NEA компонентов в разных популяциях и в разное время. На схеме от нее сначала отделяется ветвь, ведущая к байкальскому UKY, затем – ветвь, ведущая к индивиду Колыма, вслед на этим – ветвь древнего населения Аляски (USR1).



Графическая модель (qpGraph) генетических связей между популяциями Сибири и коренного населения Америки. Оранжевая ветвь показывает линию коренного населения Америки, красная ветвь – линию Северо-Восточной Азии. Цифрами обозначено число мутационных шагов, проценты – доли генетических потоков.

Дальнейшие исследования геномов Сибири верхнего палеолита будут необходимы, чтобы точно описать, где и когда сформировался генофонд первых жителей Америки, пишут авторы.

Генетические перемены от раннего неолита к бронзовому веку

Еще она исследуемая в данной работе проблема состояла в поиске признаков генетических изменений в байкальском регионе, происходивших в период от раннего неолита к бронзовому веку. Авторы выяснили, что в популяциях раннего байкальского неолита доля компонента ANE была выше, чем в позднем неолите и бронзовом веке. Время смешения компонентов ANE и NEA ограничено рамками от 8000 до 5500 лет назад. С учетом этого временного периода предполагается, что обе байкальские популяции, как раннего неолита, так и позднего неолита/бронзового века, могли образоваться в ходе смешения

между локальными группами и популяциями родственными NEA (как популяция из Чертовых ворот).

Исследователи оценили в байкальских геномах степень гомозиготности и не нашли у них признаков инбридинга, в отличие от индивида Колыма, у которого отмечалась высокая степень гомозиготности, что говорит о принадлежности к малочисленной популяции.

У одного байкальского индивида позднего неолита/ранней бронзы, геном которого на графике главных компонент располагался в стороне от основного кластера этого периода, обнаружился степной генетический вклад – от 42% до 48%. Вероятно, считают авторы, его источник — популяция афанасьевской культуры, которая генетически родственна ямной культуре причерноморской степи. Для двух индивидов позднего неолита путем анализа изотопов стронция в эмали зубов показано неместное происхождение, они родились в ином, чем долина реки Ангара, регионе.

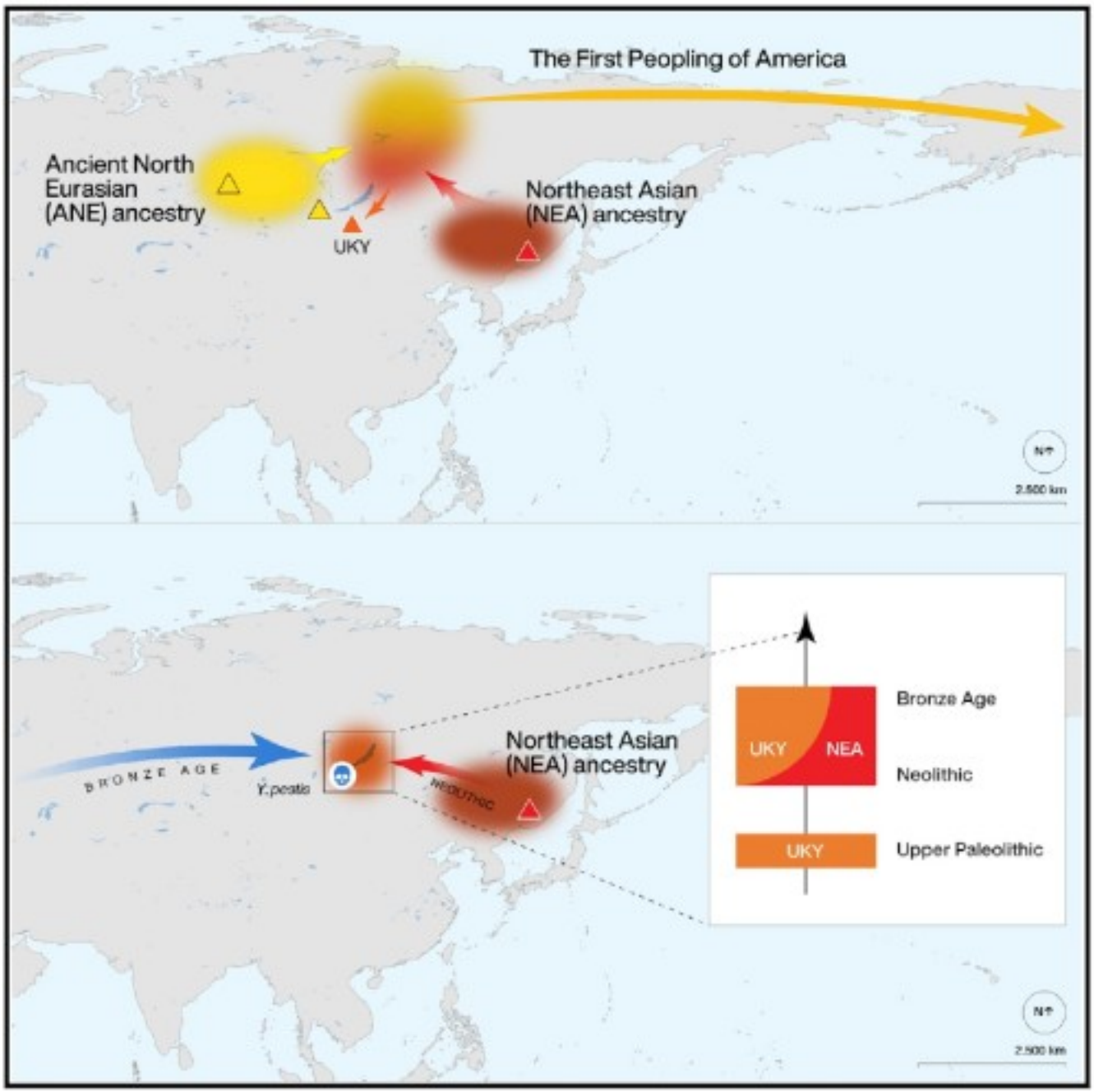
Таким образом, от верхнего палеолита до бронзового века в регионе Байкала происходило множество генетических изменений, в том числе в популяциях менялось соотношение ANE и NEA компонентов. Однако при этом не было полного замещения популяций, и генофонд «древних северных евразийцев» не исчез, а просуществовал до бронзового века.

Распространение чумы в Южную Сибирь

В байкальских образцах ученые провели поиск генетических следов возбудителя чумы *Yersinia pestis*. ДНК этой бактерии была найдена у двух индивидов позднего неолита/ бронзового века возрастом 4 556 и 4 430 лет из Глазково, под Иркутском. Геномы *Y. pestis* секвенировали и сравнили с другими древними изолятами, найденными в Евразии. Они оказались наиболее близки к геномам *Y. pestis* из региона Балтики, обнаруженной у индивидов возрастом 4 520–4 290 лет, ассоциированных с культурой шнуровой керамики. Результат интригующий, не только из-за огромного расстояния, отделяющего Байкал от Балтики, но и потому что эти байкальские индивиды не имели степного генетического вклада, который был характерен для шнуровиков. Более того, все древние геномы чумной бактерии до сих пор были найдены у индивидов с высокой долей степного вклада, так что распространение чумы по Евразии палеогенетики связали со степной миграцией.

Особенности генома *Y. pestis* в байкальских образцах, в частности отсутствие гена *ymt*, говорит о том, что бактерия еще не приобрела способность эффективно передаваться с блохами и вызывать бубонную чуму. Тем не менее, чумная инфекция присутствовала на Байкале в позднем неолите/раннем бронзовом веке. На сегодня это самая восточная находка древней чумы и единственная не связанная со степным генетическим вкладом у носителей инфекции.

Тем не менее по упомянутому выше индивиду позднего неолита/ранней бронзы со значительным степным генетическим вкладом получено доказательство того, что миграция из западноевразийских степей достигла региона Байкала. Это говорит о высокой мобильности людей в пределах Евразии. С другой стороны, геномы бактерии *Y. pestis*, найденные у двух байкальских индивидов, оказались близки к геномам возбудителя чумы с Балтики, найденных у представителей культуры шнуровой керамики. Это демонстрирует мобильность *Y. pestis* в пределах Евразии. Поскольку мобильность бактерии палеогенетики ранее связали именно со степной миграцией, логично предположить, что и на Байкал она попала именно таким путем. Филогения *Y. pestis* говорит о том, что она распространилась в регион Байкала с экспансией степного генетического компонента пять тысячелетий назад. Но уже в это регионе бактерия могла инфицировать человека, происхождение которого не было связано со степной миграцией.



Итоговая схема популяционной динамики в Сибири от верхнего палеолита до бронзового века.

текст Надежды Маркиной

Источник:

He Yu, Maria A. Spyrou, Marina Karapetian et al. Paleolithic to Bronze Age Siberians Reveal Connections with First Americans and across Eurasia // Cell 181, 1–14, June 11, 2020 https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.04.037

текст статьи можно скачать в Библиотеке сайта